

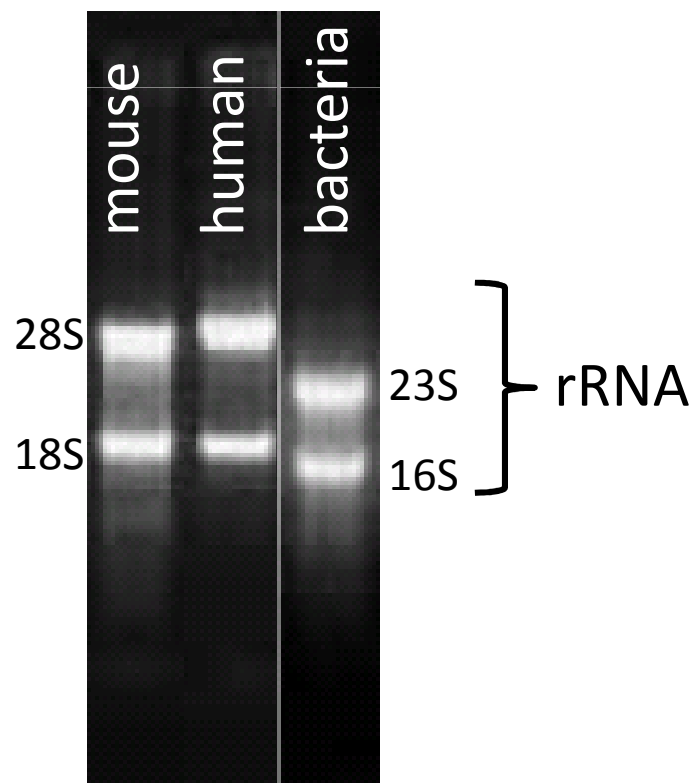
8. Translation

Konzepte:

- ➡ Translation benötigt tRNAs und Ribosomen
- ➡ Genetischer Code
- ➡ Initiation - Elongation - Termination

1. Welche Typen von RNAs gibt es und welches sind ihre Funktionen?

Type	Relative amount (%)	Sedimentation coefficient (S)	Mass (kd)	Number of nucleotides
Ribosomal RNA (rRNA)	80	23	1.2×10^3	3700
		16	0.55×10^3	1700
		5	3.6×10^1	120
Transfer RNA (tRNA)	15	4	2.5×10^1	75
Messenger RNA (mRNA)	5	Heterogeneous		



Informational RNAs:

- mRNA → Transkription

Functional RNAs:

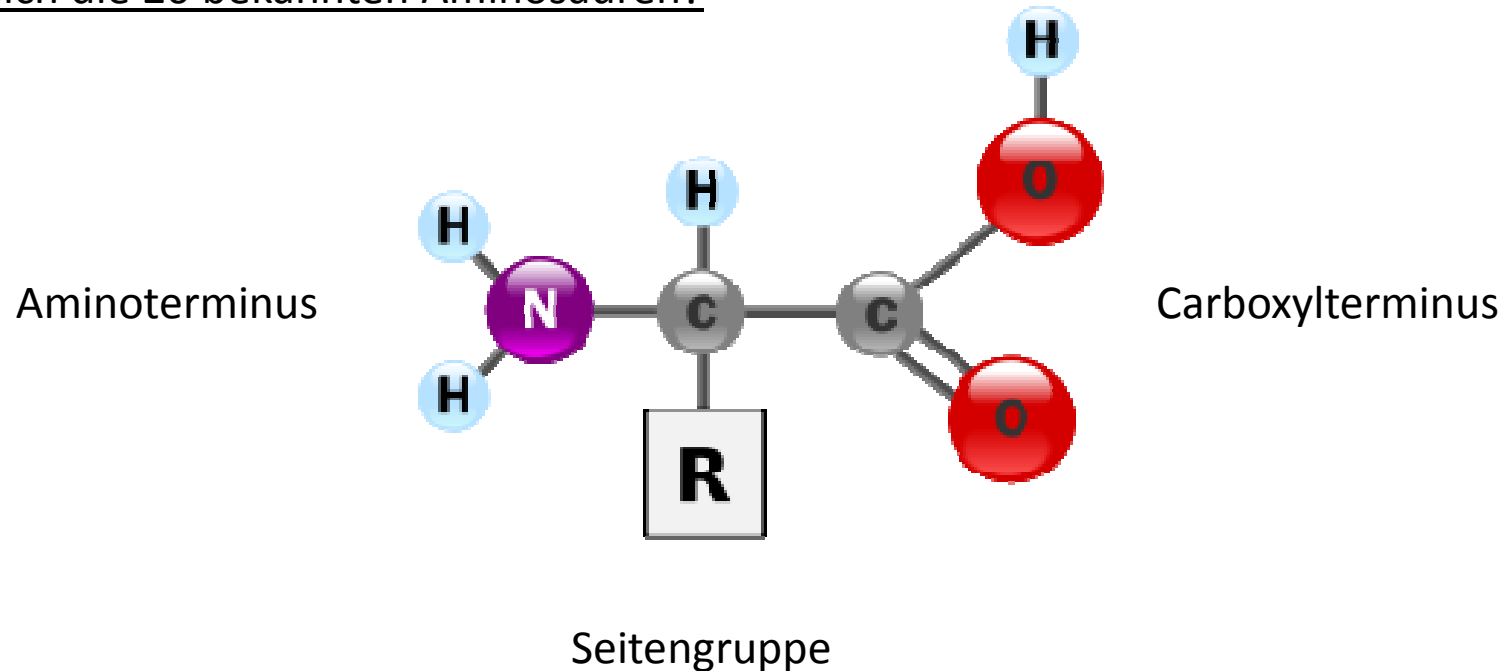
- tRNA → AS zu mRNA

- rRNA → Ribosomen

- snRNA → Splicing

- miRNA → Gene silencing

2. Zeichnen Sie die allgemeine Strukturformel für eine Aminosäure. Worin unterscheiden sich die 20 bekannten Aminosäuren?



Seitengruppe:

- Polarität der Seitengruppe bestimmt über den hydrophilen oder -phoben Charakter der AS
→ wichtig für Proteinstruktur und Protein-Protein Interaktionen
- Verteilung hydrophiler und -phober AS bestimmt die Tertiärstruktur des Proteins
→ lösliche Proteine reich an polaren AS an der Oberfläche (z.B. Serin, Threonin)
→ integrale Membranproteine weisen einen äußeren Ring von hydrophoben AS auf → Verankerung im Lipid Bilayer
→ In der Membran verankerte Proteine haben ein hydrophobes Ende, was sie dort fixiert
- Proteine, die negativ geladene Moleküle binden weisen positiv geladene Ketten auf (z.B. aus Lysin und Arginin)

3. Beschreiben Sie vier Typen von Punktmutationen und ihre Auswirkungen auf das Genprodukt.

Frameshift Mutation:

ICH MAG **NUR** EIN EIS

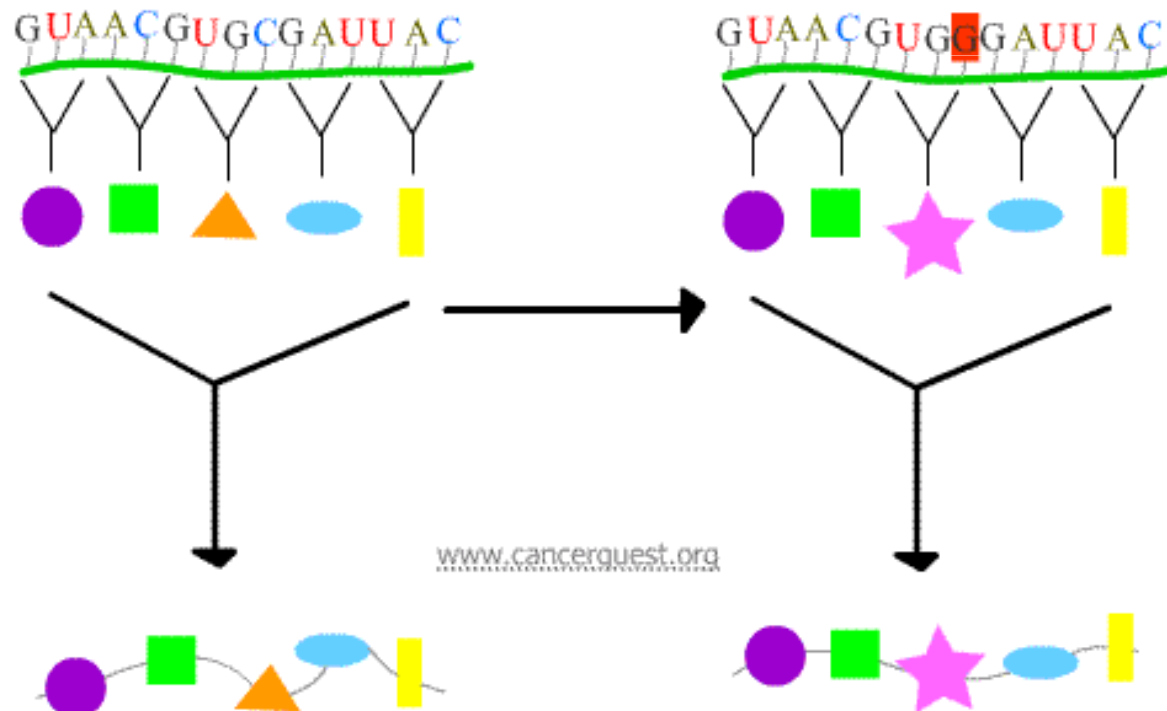
Deletion von R: ICH MAG NUE INE IS

Insertion oder Deletion einer Base ändert den *Reading Frame*/Leserahmen, indem sich alles um eine Base verschiebt

→ Änderung der AS im Protein nach dem Frameshift

Missense Mutation:

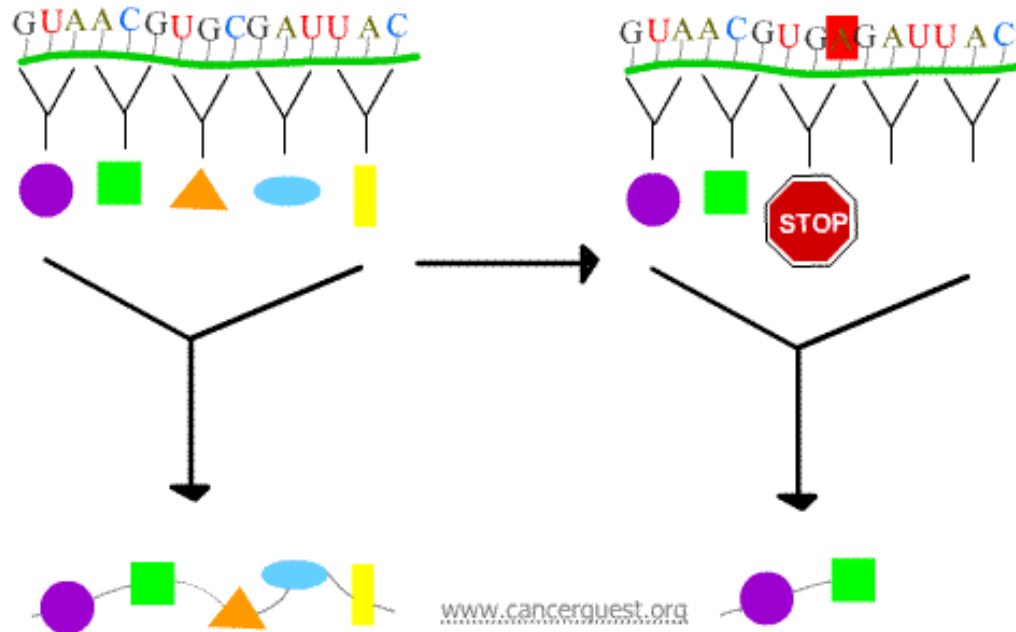
Austausch einer einzigen Base ändert die AS des entsprechenden Codons.



3. Beschreiben Sie vier Typen von Punktmutationen und ihre Auswirkungen auf das Genprodukt.

Nonsense Mutation:

Austausch einer einzigen Base ändert die AS des entsprechenden Codons in ein STOP Codon.



Stille Mutation:

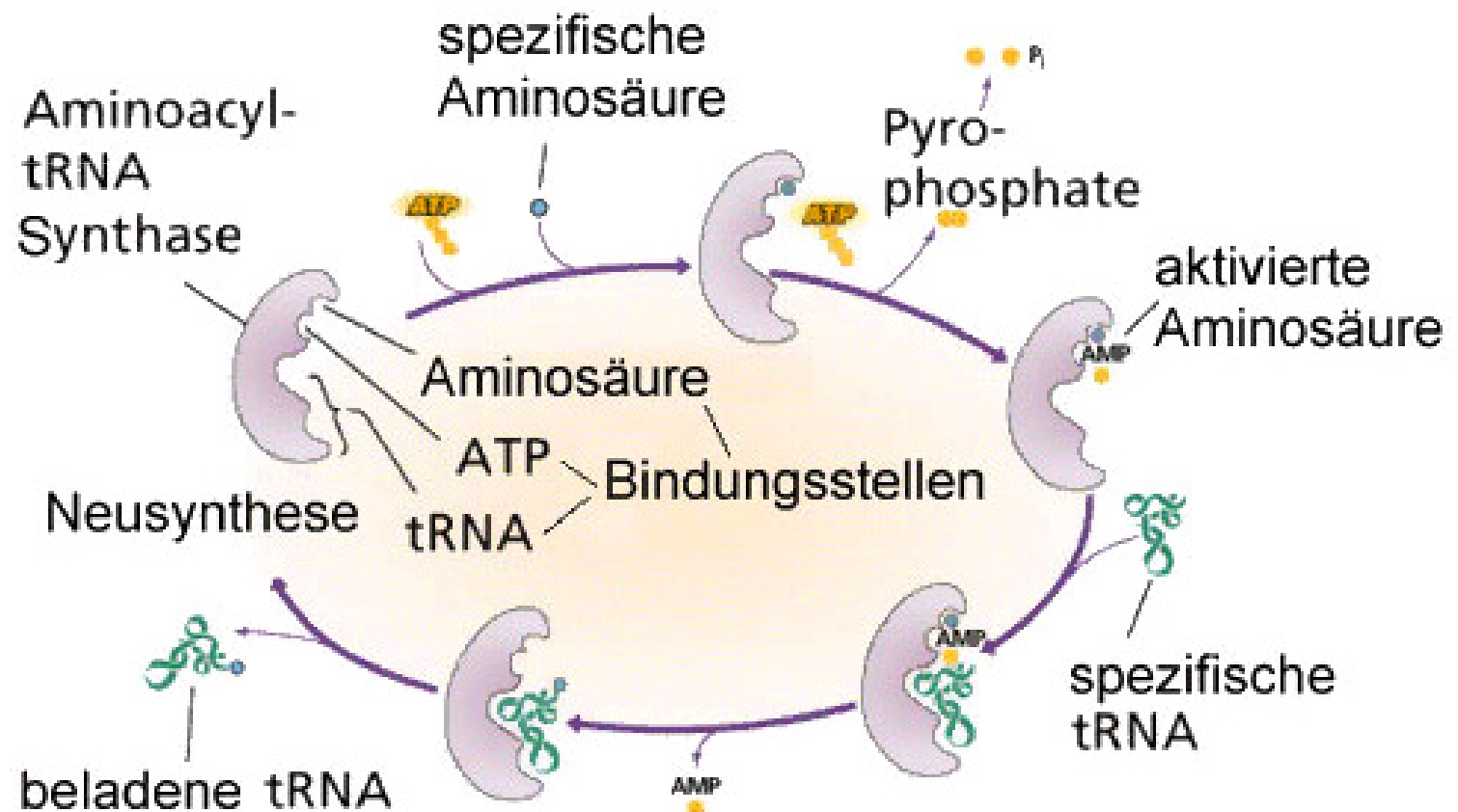
Austausch einer einzigen Base ändert die AS des entsprechenden Codons nicht.

ACC }
ACA } Beides kodiert für Threonin

4. Durch welche Enzyme werden Aminosäuren mit tRNAs verknüpft?

- (a) Proteinsynthetasen
- (b) RNA-Polymerasen
- (c) Aminoacyl-tRNA-Synthetasen**
- (d) Triplet-Synthetasen
- (e) DNA-Polymerasen

Beladen der t-RNAs



5. Ein Gen kodiert ein Polypeptid von 30 Aminosäuren bestehend aus einer alternierenden Abfolge von Phenylalanin und Tyrosin. Welches ist die korrespondierende Nukleotidsequenz?

(a) im kodierenden Strang, vorausgesetzt daß Phe = UUU und Tyr = UAU in der mRNA

TTT TAT TTT TAT ...

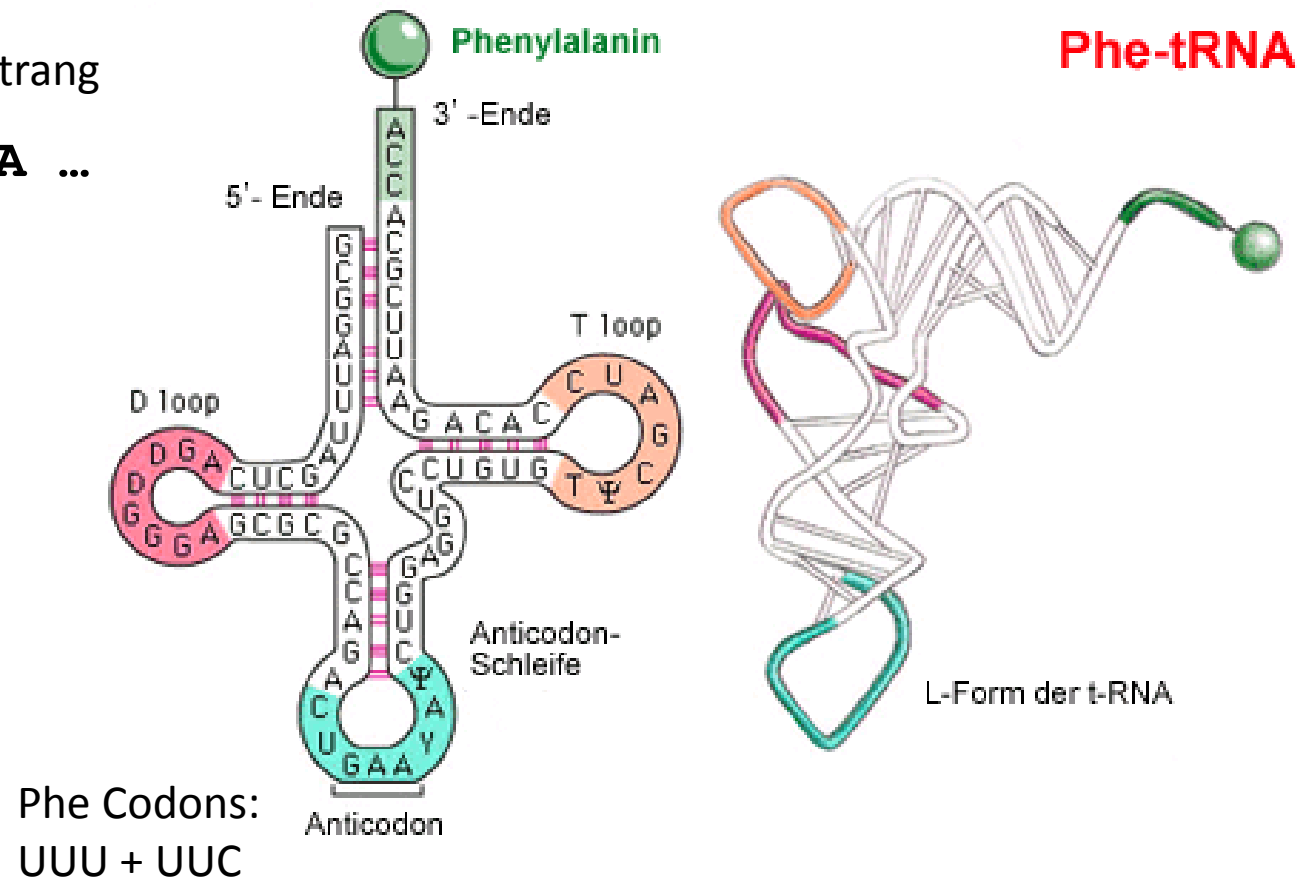
(b) im nicht-kodierenden Strang

AAA ATA AAA ATA ...

(c) in der tRNA

AAA für Phe

AUA für Tyr



6. 5'-CAU-3' ist ein mRNA-Codon für die Aminosäure Histidin an Position 58 der Alpha-Kette menschlichen Hämoglobins.

(a) Welches ist das korrespondierende Anticodon in der tRNA?

CAU

GUA

(b) Welches ist das korrespondierende Triplet im kodierenden DNA-Strang?

CAU

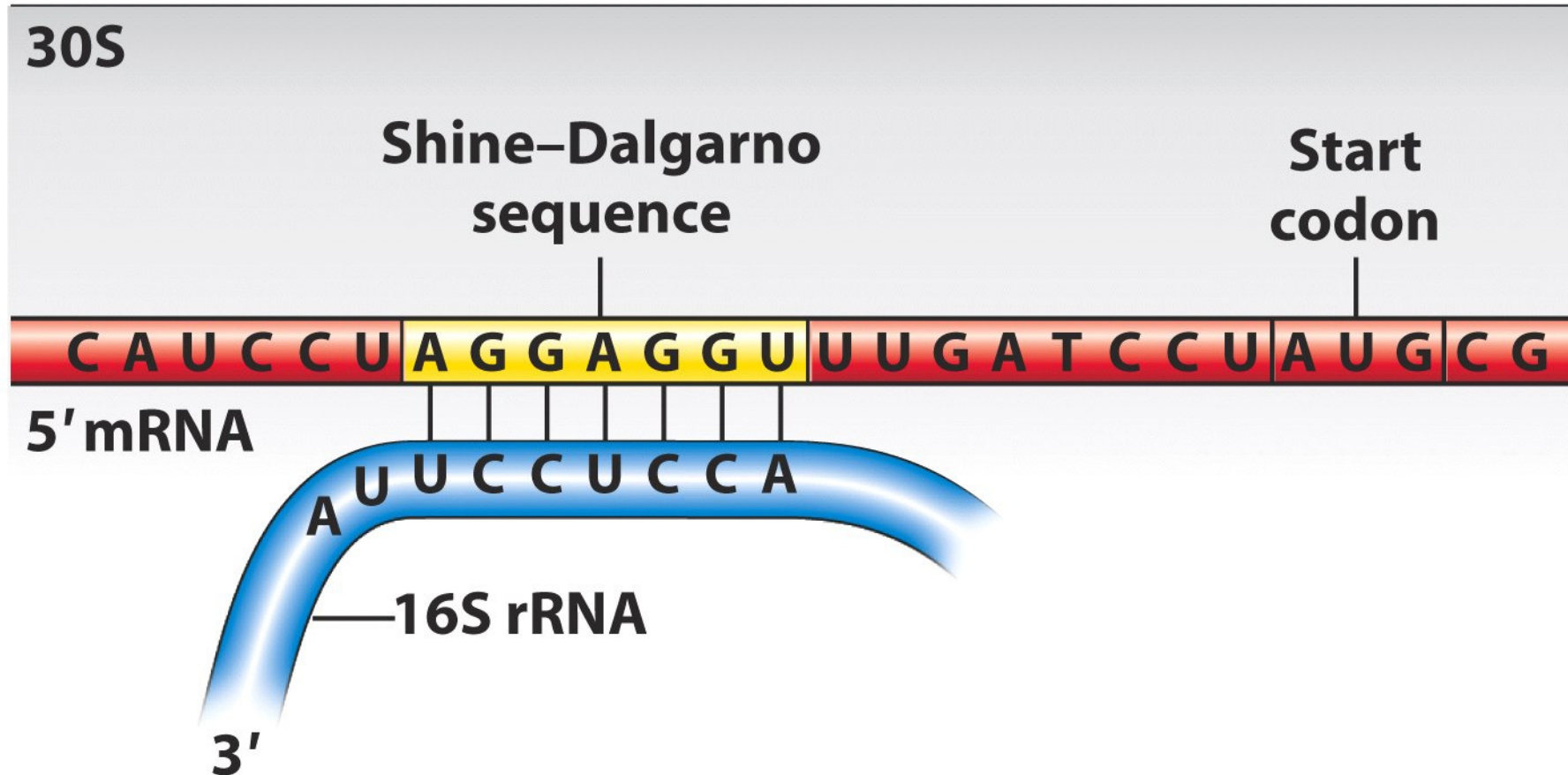
CAT → kodierend = non-template

(c) Welches ist das korrespondierende Triplet im Template-DNA-Strang?

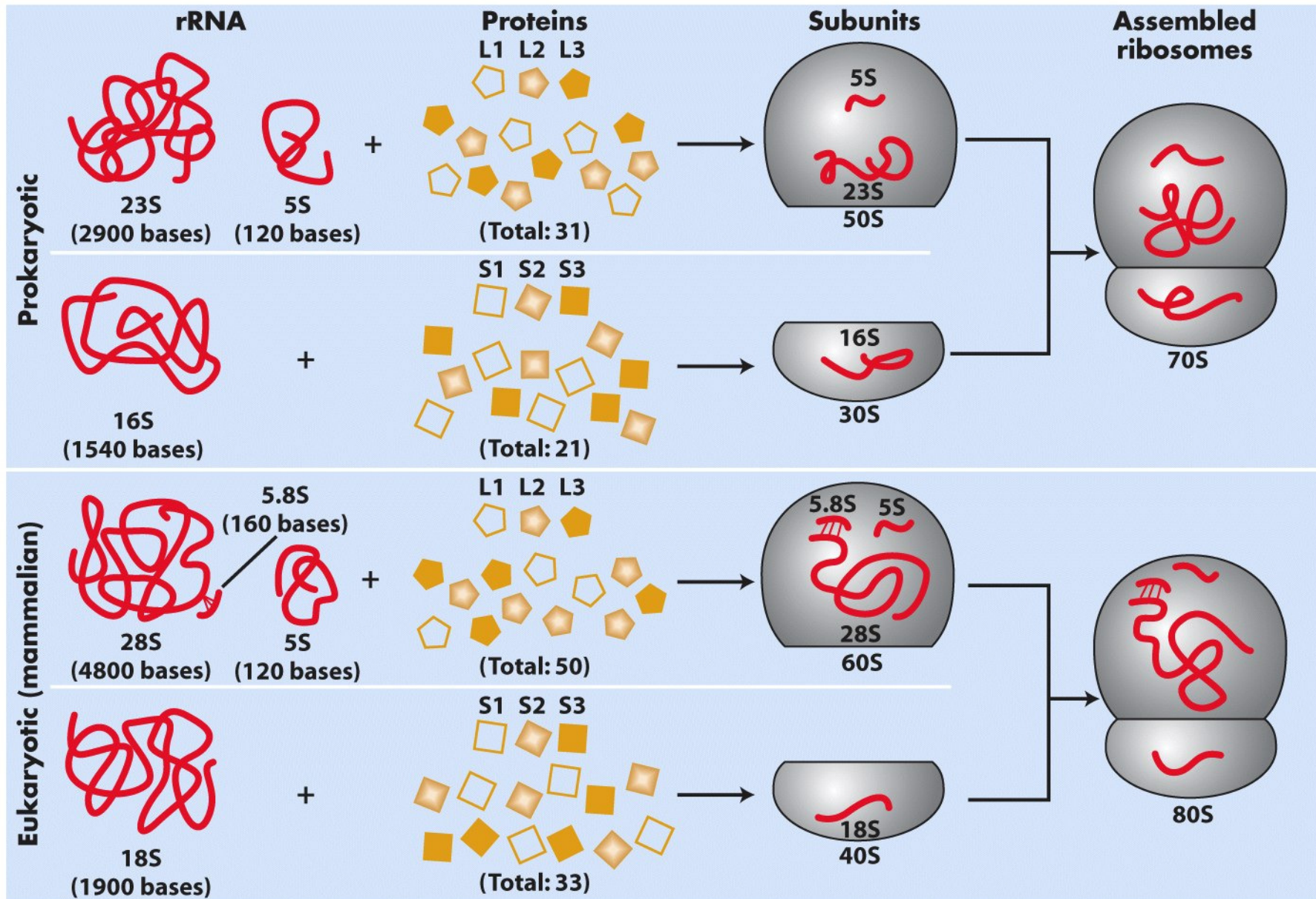
CAU

GTA → Template = non-coding

8. In Prokaryoten sind Shine-Dalgarno-Sequenzen spezielle Sequenzen, die mit den 3'-Enden der rRNA paaren. Was ist die Funktion dieser Sequenzen?



- komplementär zum 3'-Ende der 16S rRNA → dient zur Bindung eines Ribosoms
- positioniert das Initiationscodon in der P site
- 3-12 bp vor einem Initiationscodon lokalisiert



70% tRNA + 30% Proteine!

7. Beschreiben Sie die drei Phasen der Translation und welche zellulären Komponenten daran beteiligt sind.

Initiation (Initiationsfaktoren IF1, IF2 + IF3 +
Initiator – tRNA= fMet - tRNA)

Elongation (Elongationsfaktoren EF-Tu, EF-Ts + EF-G)
10-20 Polymerisationen pro Sekunde

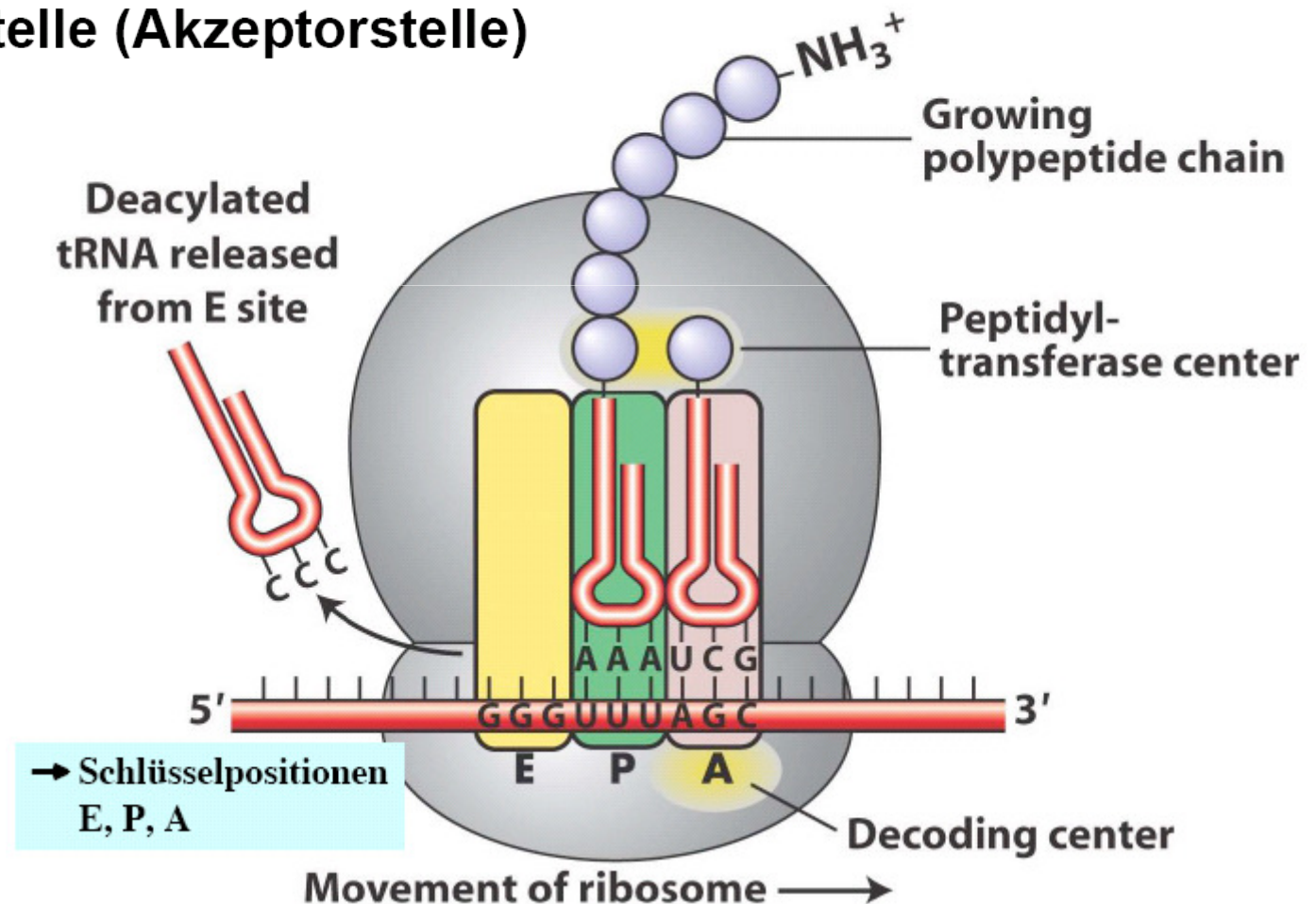
Termination (Release - Faktoren, RF1, RF2, RF3; RRF)

3 wichtige Stellen im Ribosom:

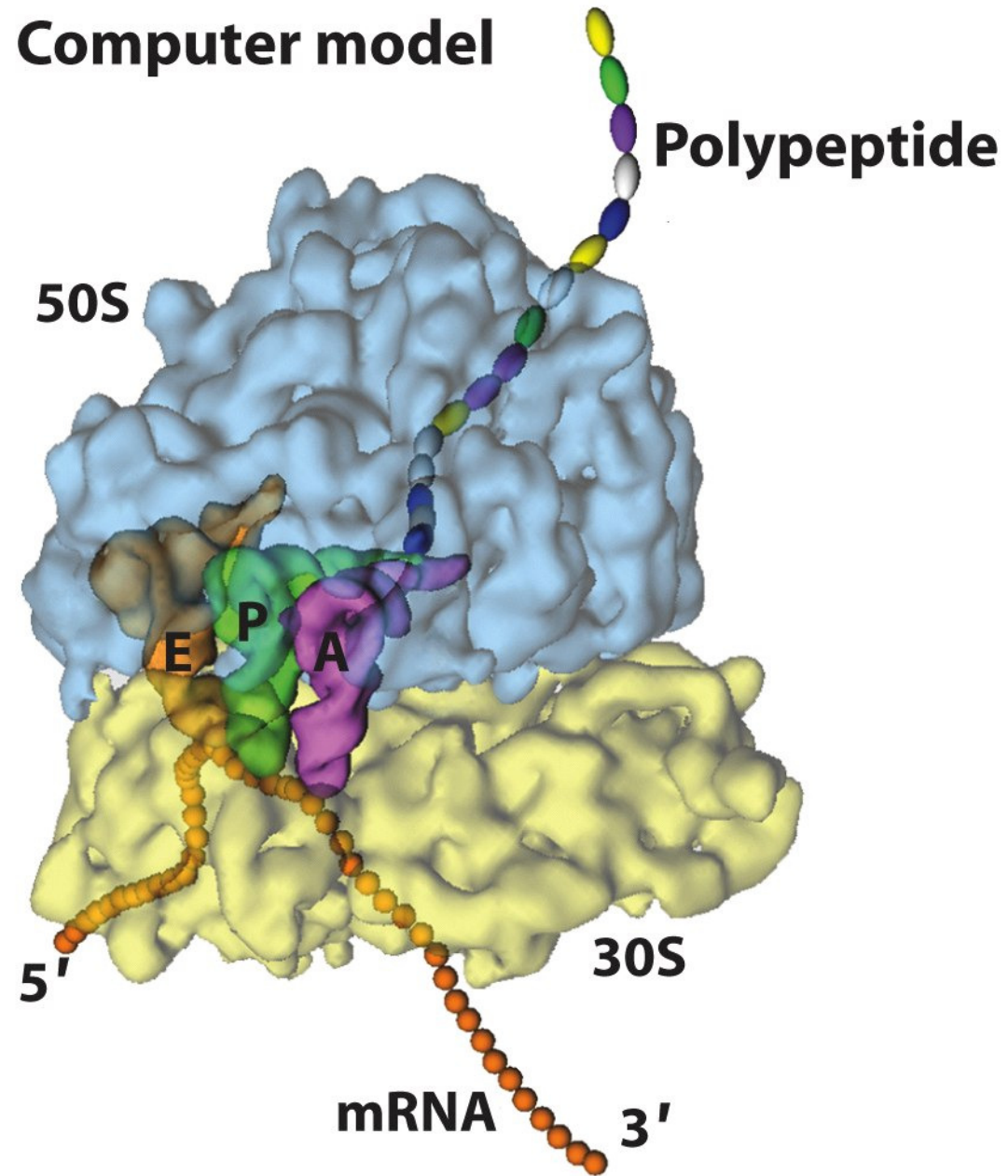
E = **Exit**-Stelle (für unbeladene tRNA)

P = **Peptidyl**-Stelle (Donorstelle)

A = **Aminoacyl**-Stelle (Akzeptorstelle)



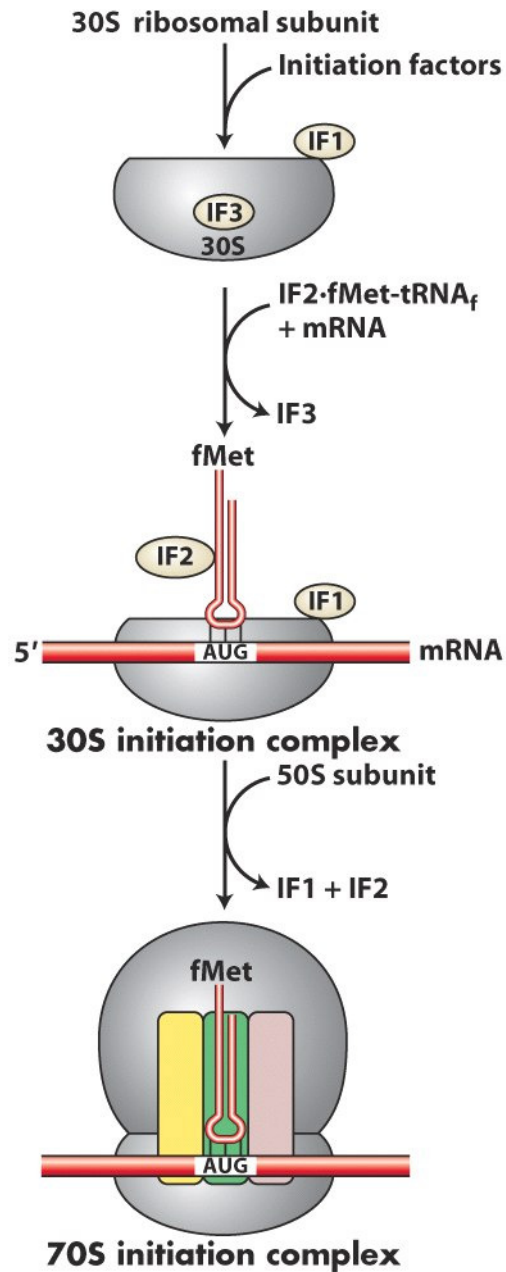
Computer model



Initiation:

1. IF3 stimuliert Bindung der mRNA an die 30S Untereinheit

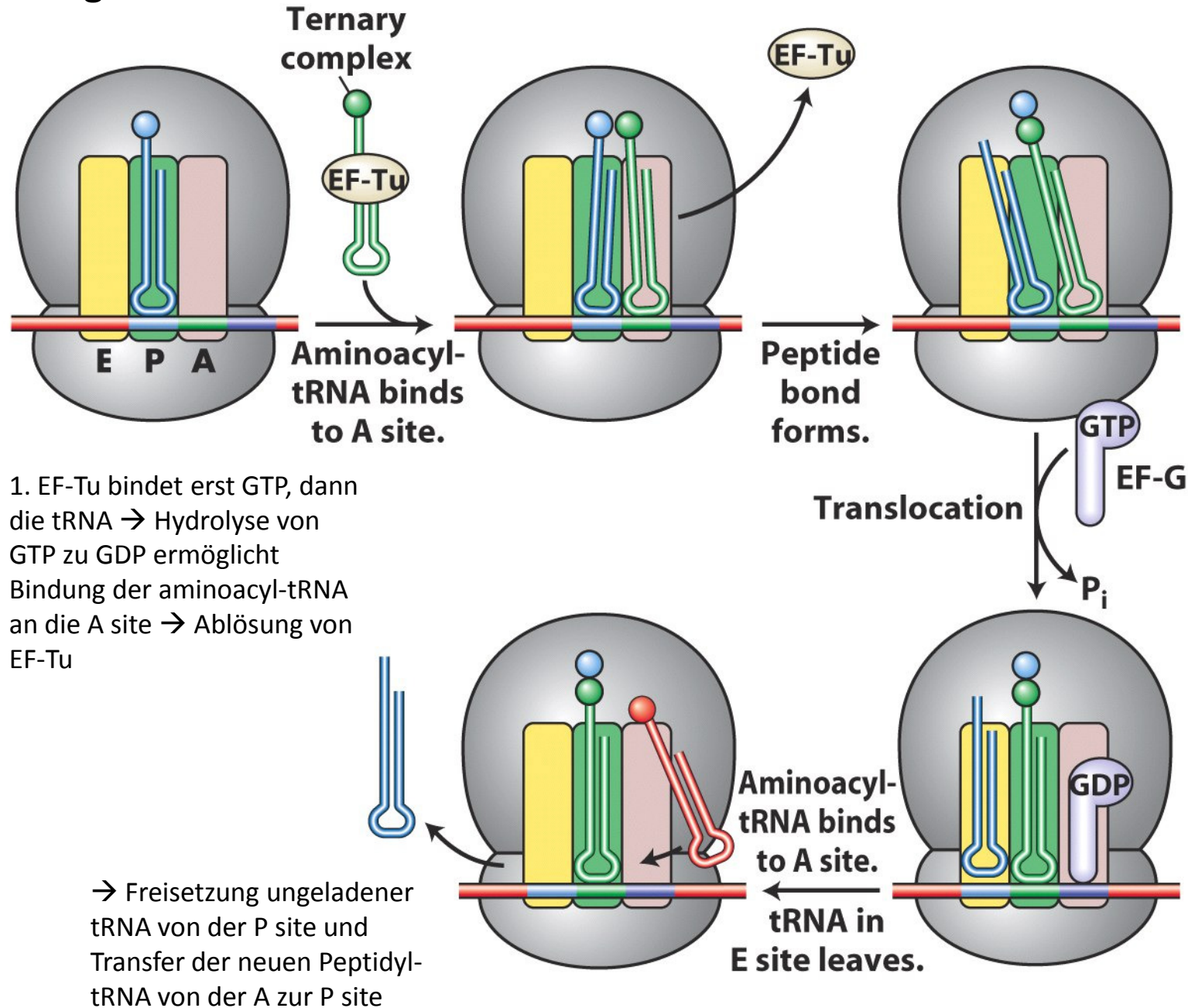
3. IFs werden freigesetzt und die ribosomalen Untereinheiten setzen sich zum kompletten Ribosom zusammen



2. IF2 bindet an die Initiator-fMet-tRNA

→ fMet-tRNA bindet an die P site

Elongation:



1. EF-Tu bindet erst GTP, dann die tRNA → Hydrolyse von GTP zu GDP ermöglicht Bindung der aminoacyl-tRNA an die A site → Ablösung von EF-Tu

2. Translokation I: fMet an der Peptidyl-tRNA wird auf die Aminoacyl-tRNA transferiert → durch Peptidyltransferase

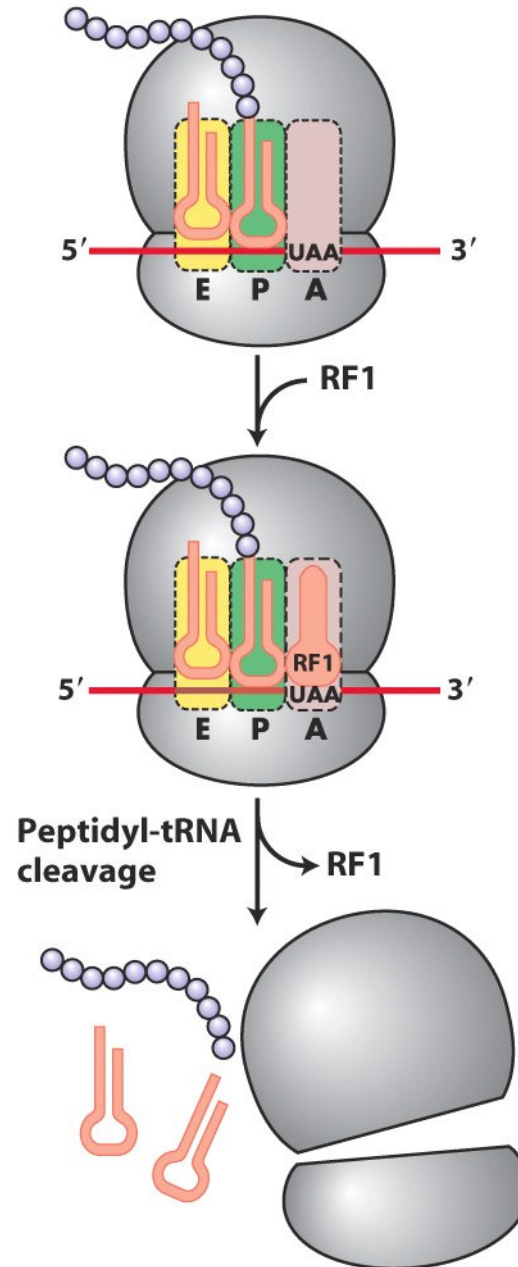
3. Translokation II: EF-G setzt sich in A site → Ribosom geht ein Codon weiter → katal. durch EF-G und GTP-Spaltung zu GDP

→ Freisetzung ungeladener tRNA von der P site und Transfer der neuen Peptidyl-tRNA von der A zur P site

Termination:

1. RF1 (UAA, UAG) und RF2 (UAA, UGA) erkennen STOP Codons → Bindung an A site, wenn Peptidyl-tRNA in P Position

2. Dadurch Ablösung des Polypeptids und Dissoziation der Ribosomen in die beiden Untereinheiten



tRNAs erkennen STOP Codons nicht!

Termination durch “release – factors”

RF1 **erkennt UAA- und UAG-Codons**

RF2 **erkennt UAA- und UGA-Codons**

RF3 **hilft RF1 und RF2; bindet GTP und stimuliert
Freisetzung der Polypeptidkette**

Ribosomen-Recycling factor (RRF): Trennung der Ribos. UE

**RF1 und RF2: ähnliche Struktur wie tRNA
 (“molecular mimicry”)**

9. Das folgende DNA-Fragment enthält das Translationsinitiationskodon eines Gens:

CGGAACATCGC

GCCTTGTAGCG

Der Template-Strang ist:

(a) Der obere Strang, 5' → 3'

~~(b) Der obere Strang, 3' → 5'~~

~~(c) Der untere Strang, 5' → 3'~~

(d) Der untere Strang, 3' → 5'

(e) Es gibt verschiedene Möglichkeiten.

5' – CGGAACATCGC – 3'

3' – GCCTT**GTA**GCG – 5'

Template = 5' – CAT – 3'

mRNA START = 3' – **GUA** – 5'